

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2005年7月7日 (07.07.2005)

PCT

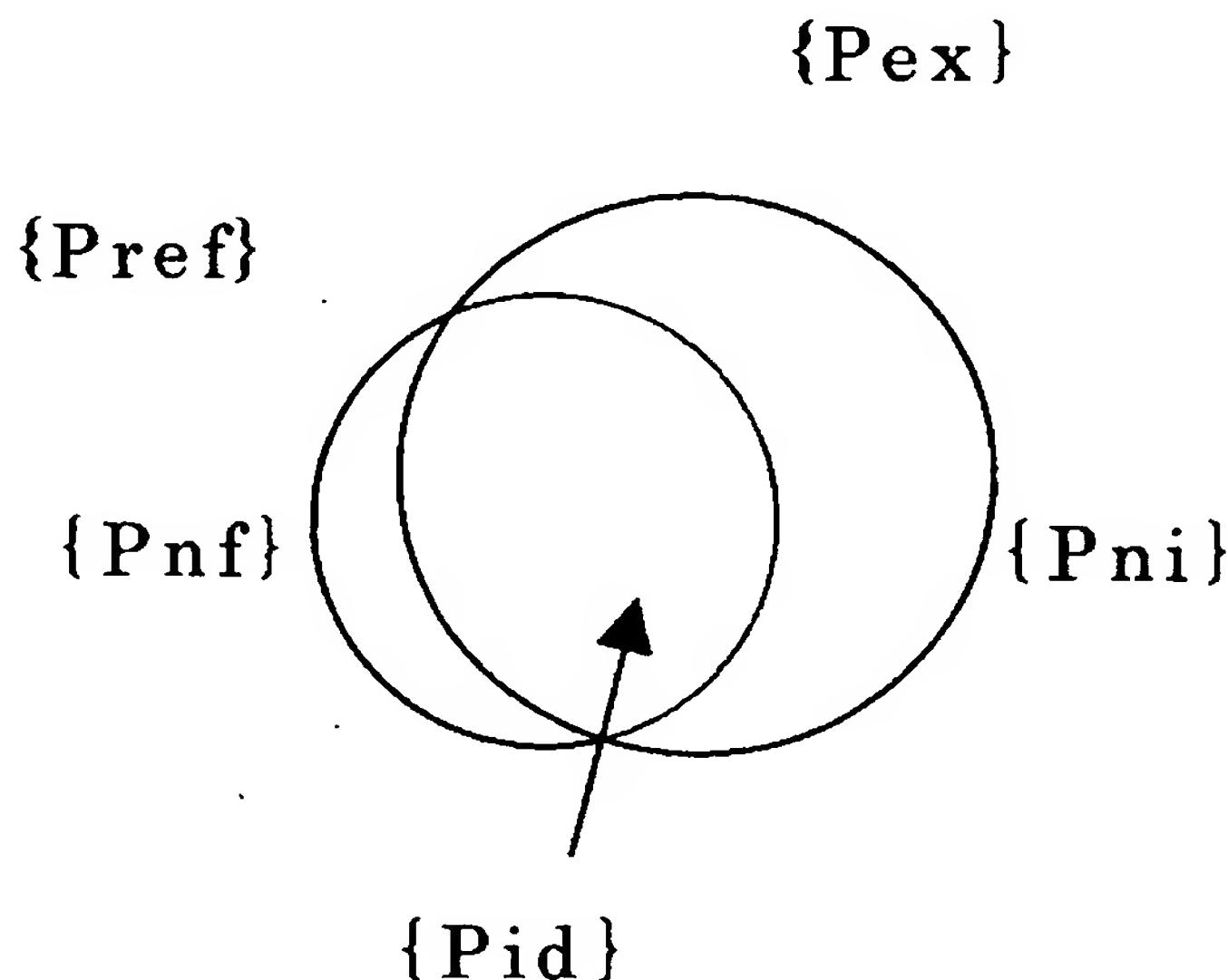
(10) 国際公開番号
WO 2005/062034 A1

(51) 国際特許分類: G01N 27/62
(21) 国際出願番号: PCT/JP2004/018901
(22) 国際出願日: 2004年12月17日 (17.12.2004)
(25) 国際出願の言語: 日本語
(26) 国際公開の言語: 日本語
(30) 優先権データ:
特願 2003-422781
2003年12月19日 (19.12.2003) JP
(71) 出願人(米国を除く全ての指定国について): 日本電気
株式会社 (NEC CORPORATION) [JP/JP]; 〒1088001
東京都港区芝五丁目7番1号 Tokyo (JP).
(72) 発明者: および
(75) 発明者/出願人(米国についてのみ): 鳥居 宏在
(TORII, Hiroaki) [JP/JP]; 〒1088001 東京都港区芝五
丁目7番1号 日本電気株式会社内 Tokyo (JP). 宮崎
賢司 (MIYAZAKI, Kenji) [JP/JP]; 〒1088001 東京都
港区芝五丁目7番1号 日本電気株式会社内 Tokyo
(JP). 上條 恵一 (KAMIJO, Kenichi) [JP/JP]; 〒1088001
東京都港区芝五丁目7番1号 日本電気株式会社
内 Tokyo (JP). 次田 畏 (TSUGITA, Akira) [JP/JP]; 〒
1088001 東京都港区芝五丁目7番1号 日本電気株
式会社内 Tokyo (JP).
(74) 代理人: 宮崎 昭夫, 外 (MIYAZAKI, Teruo et al.); 〒
1070052 東京都港区赤坂1丁目9番20号 第16興
和ビル 8階 Tokyo (JP).
(81) 指定国(表示のない限り、全ての種類の国内保護が
可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR,
BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,

[続葉有]

(54) Title: METHOD OF IDENTIFYING PROTEIN WITH THE USE OF MASS SPECTROMETRY

(54) 発明の名称: 質量分析法を利用するタンパク質の同定方法



moreover, comparing mismatching fragments while presuming mutations therein.

(57) Abstract: It is intended to provide a method of specifying at a high accuracy a publicly known protein or a mutant of a publicly known protein originating in the same genomic gene as a subject protein based on the mass spectroscopic data of a plural number of peptide fragments obtained by digesting the subject protein to be analyzed with site-specific enzymes by referring to the base sequence of a gene encoding the publicly known protein on database and a presumed full-length amino acid sequences. In the above method, the measured molecular weight data of the peptide fragments originating in the subject protein, which are obtained by peptide fragmentation via a site-specific protein digestion treatment, are compared with estimated molecular weight data of the peptide fragments based on the presumed full-length amino acid sequence of a publicly known protein. Then the publicly known protein which is a candidate for the protein to be identified is specified at a high accuracy by examining the number of matching fragments and the continuousness in the amino acid sequences in matching fragments of the publicly known protein and,

WO 2005/062034 A1

(57) 要約: 本発明は、データ・ベース上の公知タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列、ならびに、推断される完全長アミノ酸配列を参照し、解析対象タンパク質を部位特異的酵素消化したペプチド断片複数の質量分析結果に基づき、該対象タンパク質と同じゲノム遺伝子に由来する公知タンパク質、ないしは公知タンパク質変異体を高い確度で特定する手法を提供する。本発明の手法においては、部位特異的なタンパク質分解処理によるペプチド断片化を利用した、該対象タンパク質由来のペプチド断片分子量実測値と、公知タンパク質の推断完全長アミノ酸配列に基づき、推定されるペプチド断片分子量推定値とを対比し、一致する断片数の多寡、ならびに、公知タンパク質の一致断片アミノ酸配列の連續性、更には、不一致断片における変異推定を含む対比により、同定候補となる公知タンパク質を高い確度で特定する。



ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU,

IE, IS, IT, LT, LU, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:

— 國際調査報告書

2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。